

Figure 1 : Alignment of the BASB070 polynucleotide sequences.
Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot and Gap is indicated by a dash.

5		*	20	*	
	Seqid1	:	ATGAAGAAAGCTATAAAATTAAATTTAATT	:	30
	Seqid3	:	:	30
10			40	*	60
	Seqid1	:	ACACTTGGCCTAATTAATACGATCGGTATG	:	60
	Seqid3	:A.....C.....A.....	:	60
15		*	80	*	
	Seqid1	:	ACGATTACACAAGCTCAAGCCGAAGAAACA	:	90
	Seqid3	:	:	90
20			100	*	120
	Seqid1	:	TTAGGACAAATTGATGTAGTGGAAAAAGTT	:	120
	Seqid3	:G.....C..A.....G	:	120
25		*	140	*	
	Seqid1	:	ATATCAAACGATAAAAAACCTTTCACTGAA	:	150
	Seqid3	:T..C.....	:	150
30			160	*	180
	Seqid1	:	GCCAAAGCCAAAAGTACACGTGAAAATGTC	:	180
	Seqid3	:G.....	:	180

```

                *           200           *
Seqid1 : TTTAAGGAAACACAAACCATTGACCAAGTG : 210
Seqid3 : .....C : 210

5
                220           *           240
Seqid1 : ATTCGAAGTATCCCTGGTGCATTTACTCAA : 240
Seqid3 : .....G..C..T.....G..... : 240

10
                *           260           *
Seqid1 : CAAGATAAAGGCTCGGGTGTCTGTTCTGTG : 270
Seqid3 : .....G.....A : 270

15
                280           *           300
Seqid1 : AATATTCGTGGCGAAAATGGATTAGGTCGT : 300
Seqid3 : ..... : 300

20
                *           320           *
Seqid1 : GTCAATACTATGGTTGATGGTGTAACACAG : 330
Seqid3 : .....G.....C..A : 330

25
                340           *           360
Seqid1 : ACCTTCTATTCTACAGCCTTAGACTCAGGT : 360
Seqid3 : .....T... : 360

30
                *           380           *
Seqid1 : CAATCAGGCGGAAGTTCTCAATTTGGTGCG : 390
Seqid3 : ..... : 390
```

400 * 420
 Seqid1 : GCAATCGATCCTAATTTTATTGCAGGTGTA : 420
 Seqid3 :C..... : 420
 5

* 440 *
 Seqid1 : GATGTTAATAAAAGCAACTTTTCAGGAGCA : 450
 Seqid3 :G..... : 450
 10

460 * 480
 Seqid1 : AGCGGTATAAATGCGTTAGCAGGCAGTGCT : 480
 Seqid3 :C..... : 480
 15

* 500 *
 Seqid1 : AATTTTAGAACATTAGGCGTTAATGATGTT : 510
 Seqid3 :A.....G : 510
 20

520 * 540
 Seqid1 : ATTACCGATGACAAACCATTGCGCATTATT : 540
 Seqid3 :C..... : 540
 25

* 560 *
 Seqid1 : CTGAAAGGAATGACAGGGAGTAATGCCACT : 570
 Seqid3 :C..... : 570
 30

580 * 600
 Seqid1 : AAATCCAATTTTATGACAATGGCTGCTGGC : 600
 Seqid3 :G.CA.....A... : 600

```

                                *           620           *
Seqid1 : AGAAAATGGCTTGATAATGGTGGCTATGTA : 630
5 Seqid3 : ..... : 630

                                640           *           660
Seqid1 : GGCGTGGTGTATGGTTATAGCCAACGTGAA : 660
10 Seqid3 : .....A..... : 660

                                *           680           *
Seqid1 : GTATCTCAAGATTACCGTATCGGTGGCGGA : 690
15 Seqid3 : ..T..A.....T.....A..... : 690

                                700           *           720
Seqid1 : GAACGATTAGCATCATTAGGGCAGGATATT : 720
20 Seqid3 : .....A..... : 720

                                *           740           *
Seqid1 : CTCGCGAAAGAAAAAGAAGCTTATTTTCGT : 750
25 Seqid3 : ..T..T.....AAGAT..... : 750

                                760           *           780
Seqid1 : AATGCGGGTTATATTTTAAATCCTGAAGGG : 780
30 Seqid3 : ....AT.....G.....T...CT..A : 780

                                *           800           *
Seqid1 : CAATGGACACCTGATTTAAGCAAAAACAT : 810
```

Seqid3 :G.....A....CC.... : 810

5 Seqid1 : TGGTCTTGTAACAAACCAGATTATCAGAAA : 840
 Seqid3 :T.CC..GAG..C.TTA... : 840

10 Seqid1 : AATGGTGAT-----TGTAAGTTAT : 858
 Seqid3 : G..AAAAG.ATGAGTACATCT....AGCC. : 870

15 Seqid1 : TATCGTATTGGATCTGCTGCAAAGACTAGA : 888
 Seqid3 :C.....C.....C..... : 900

20 Seqid1 : AGAGAAATTCTACAAGAATTATTAACAAAT : 918
 Seqid3 : CA.....A.....GA.G.. : 930

25 Seqid1 : GGAAAAAACCTAAGGATATTGAAAAGCTC : 948
 Seqid3 :G..... : 960

30 Seqid1 : CAAAAAGGTAATGATGGAATTGAAGAACT : 978
 Seqid3 :A..... : 990

1000 * 1020
Seqid1 : GACAAATCATTTGAACGTAATAAAGATCAA : 1008
Seqid3 : ..A..... : 1020
5

* 1040 *
Seqid1 : TATAGTGTTGCACCGATTGAGCCGGGTAGT : 1038
Seqid3 : ...GAC..C..C..T.....T..... : 1050
10

1060 * 1080
Seqid1 : TTGCAATCTCGTTCTCGTAGCCATTTATTA : 1068
Seqid3 :A.....T..... : 1080
15

* 1100 *
Seqid1 : AAATTTGAATATGGCGATGATCACCAAAT : 1098
Seqid3 :A.....T.CG : 1110
20

1120 * 1140
Seqid1 : TTAGGGGCGCAATTACGCACGTTGGATAAT : 1128
Seqid3 : C.....A....T..CC.T..... : 1140
25

* 1160 *
Seqid1 : AAAATTGGTTCTCGCAAATTGAAAACCGT : 1158
Seqid3 : : 1170
30

1180 * 1200
Seqid1 : AATTACCAAGTCAATTATACTTCAATAAT : 1188
Seqid3 : : 1200

```

                                *      1220      *
Seqid1 : AACAGCTATCTTGATCTTAATTTAATGGCT : 1218
5 Seqid3 : ..... : 1230

                                1240      *      1260
Seqid1 : GCACATAACATTGGAAAACTATTTATCCT : 1248
10 Seqid3 : .....C..... : 1260

                                *      1280      *
Seqid1 : AAAGGCGGTTTTTTTGCTGGCTGGCAAGTG : 1278
15 Seqid3 : ..G..T..... : 1290

                                1300      *      1320
Seqid1 : GCAGATAAACTTATCACTAAAAATGTCGCA : 1308
20 Seqid3 : .....C.....A.....G... : 1320

                                *      1340      *
Seqid1 : AATATTGTTGATATAAACAACAGCCATACT : 1338
25 Seqid3 : .....T..... : 1350

                                1360      *      1380
Seqid1 : TTCTTACTGCCAAAAGAAATTGATTTAAAA : 1368
30 Seqid3 : .....C..... : 1380

                                *      1400      *
Seqid1 : ACCACATTAGGTTTTAACTATTTTACCAAT : 1398
```

Seqid3 :G..... : 1410

1420 * 1440

5 Seqid1 : GAATACAGTAAAAACCGTTTTCCAGAAGAA : 1428
Seqid3 : : 1440

* 1460 *

10 Seqid1 : TTAAGTTTGTTTTATAACGATGCTTCACAT : 1458
Seqid3 :GTGA...AA..... : 1470

1480 * 1500

15 Seqid1 : GATCAAGGCTTATATTCACACAGTAAAAGA : 1488
Seqid3 :T.....T.A. : 1500

* 1520 *

20 Seqid1 : GGGCGATATTCTGGCACAAAAAGTTTATTA : 1518
Seqid3 :T.....G..... : 1530

1540 * 1560

25 Seqid1 : CCACAACGTTTCAGTAATCTTACAACCTTCT : 1548
Seqid3 : : 1560

* 1580 *

30 Seqid1 : GGCAAGCAAAAATTTAAAACCGTGTATTTT : 1578
Seqid3 :A..... : 1590

1600 * 1620
Seqid1 : GATACCGCACTTTCTAAAGGCATTTATCAT : 1608
Seqid3 :T..... : 1620
5

* 1640 *
Seqid1 : TTAAATTACAGCGTGAATTTTACCCATTAT : 1638
Seqid3 : : 1650
10

1660 * 1680
Seqid1 : GCCTTTAATGGTGAGTATGTAGGTTACGAA : 1668
Seqid3 :T..A..TA.. : 1680
15

* 1700 *
Seqid1 : AATACAGCGGGTCAACAAATTAATGAACCT : 1698
Seqid3 :A.A.---A..... : 1707
20

1720 * 1740
Seqid1 : ATTTTGCATAAATCAGGGCATAAAAAGGCA : 1728
Seqid3 : : 1737
25

* 1760 *
Seqid1 : TTCAATCATTCTGCCACATTAAGTGCAGAA : 1758
Seqid3 :T.....G : 1767
30

1780 * 1800
Seqid1 : CTGAGTGATTATTTTATGCCATTTTACT : 1788
Seqid3 : ..A..... : 1797

```

                                *      1820      *
Seqid1 : TATTCACGCACTCACAGAATGCCGAATATT : 1818
5 Seqid3 : .....A..... : 1827

                                1840      *      1860
Seqid1 : CAAGAGATGTTTTCTCTCAAGTGTCTAAT : 1848
10 Seqid3 : .....G.. : 1857

                                *      1880      *
Seqid1 : GCAGGGGTAAACACAGCATTAAAACCTGAA : 1878
15 Seqid3 : ..T.....C..... : 1887

                                1900      *      1920
Seqid1 : CAATCTGACACCTATCAACTAGGCTTTAAT : 1908
20 Seqid3 : ..... : 1917

                                *      1940      *
Seqid1 : ACTTATAAAAAAGGTCTCTTCACTCAAGAC : 1938
25 Seqid3 : .....A..... : 1947

                                1960      *      1980
Seqid1 : GATGTGCTAGGCGTAAAATTAGTAGGCTAT : 1968
30 Seqid3 : .....AT.....A.C.....G..... : 1977

                                *      2000      *
Seqid1 : CGTAGCTTTATTAAAACTATATCCATAAT : 1998
```

Seqid3 :C... : 2007

2020 * 2040
 5 Seqid1 : GTTTATGGTGTGGTGGCGAGATGGC--- : 2025
 Seqid3 : ..G.....A.A.....CA.....TGTT : 2037

* 2060 *
 10 Seqid1 : ATGCCTACGTGGGCAGAAAGTAATGGATTT : 2055
 Seqid3 :AGA.....AG.CTC.....T... : 2067

2080 * 2100
 15 Seqid1 : AAATATACTATTGCTCATCAAAATTATAAG : 2085
 Seqid3 : CGTCTG..G.....C.A : 2097

* 2120 *
 20 Seqid1 : CCTATTGTGAAAAAGAGCGGCGTCGAGTTA : 2115
 Seqid3 : ..A..A.....A.....A.CT..... : 2127

2140 * 2160
 25 Seqid1 : GAAATTA ACTATGACATGGGACGTTTTTTT : 2145
 Seqid3 : ..GC.C..T.....T.....G..... : 2157

* 2180 *
 30 Seqid1 : GCGAATGTCTCTTATGCATATCAACGAACA : 2175
 Seqid3 : ..A...C.G.....T.....T..T : 2187

2200 * 2220

```

Seqid1 : AATCAACCAACCAATTATGCCGATGCCAGC : 2205
Seqid3 : .....G..... : 2217

5
* 2240 *
Seqid1 : CCGCGTCCGAATAATGCTTCACAAGAAGAC : 2235
Seqid3 : T.A.....CG.....A.....G : 2247

10
2260 * 2280
Seqid1 : ATTTTGAAACAAGGTTATGGCTTATCTCGT : 2265
Seqid3 : .....T.....A..A : 2277

15

* 2300 *
Seqid1 : GTTTC AATGCTACCAAAAGACTACGGCAGA : 2295
Seqid3 : A.C..T...T.....G.....T... : 2307

20

2320 * 2340
Seqid1 : TTAGAGCTTGGCACACGTTGGTTTGATCAA : 2325
Seqid3 : .....C..... : 2337

25

* 2360 *
Seqid1 : AAATTAACCTTAGGTCTGGCAGCTCGTTAT : 2355
Seqid3 : .....TC.T...A.C.....C.....C : 2367

30

2380 * 2400
Seqid1 : TATGGAAAAAGTAAACGTGCGACAATTGAA : 2385
Seqid3 : .....T....C.C.. : 2397

```

```

                *           2420           *
Seqid1 : GAAGAATATATCAATGGATCTCGCTTTAAA : 2415
5 Seqid3 : .....C.....C..C.....A.G.. : 2427

                2440           *           2460
Seqid1 : AAAAATACCTTGCGTCGTGAAAATTACTAT : 2445
10 Seqid3 : .....TAC...CGACAG..T...T... : 2457

                *           2480           *
Seqid1 : GCCGTGAAAAAAACGGAAGATATTAAAAAA : 2475
15 Seqid3 : ..TA.T.....G..A.....G..... : 2487

                2500           *           2520
Seqid1 : CAACCGATTATTTTAGATTTACACGTCAGC : 2505
20 Seqid3 : .....T..... : 2517

                *           2540           *
Seqid1 : TATGAACCAATCAAAGATTTGATTATTAAA : 2535
25 Seqid3 : ..... : 2547

                2560           *           2580
Seqid1 : GCGGAAGTACAAAATCTATTAGATAAACGT : 2565
30 Seqid3 : ..... : 2577

                *           2600           *
Seqid1 : TATGTTGATCCGTTAGATGCTGGAAATGAC : 2595
```

Seqid3 :T : 2607

2620 * 2640
5 Seqid1 : GCGGCTTCGCAACGTTATTATTCAAGTTTA : 2625
Seqid3 : : 2637

* 2660 *
10 Seqid1 : AATAATTCTATAGAATGTGCGCAAGATTCT : 2655
Seqid3 : ...G.....T...CC...AAAAT.A..GAA : 2667

2680 * 2700
15 Seqid1 : TCTGCTTGC---GGTGGTTCAGATAAAACC : 2682
Seqid3 : ..AA.C..TAAT.A.....G.....T : 2697

* 2720 *
20 Seqid1 : GTGCTTTATAACTTTGCACGTGGAAGAACT : 2712
Seqid3 : : 2727

2740 * 2760
25 Seqid1 : TATATTCTGAGTTTAAACTATAAATTCTAA : 2742
Seqid3 :G.....G : 2757

Figure 2 : Alignment of the BASB070 polypeptide sequences.
Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot and Gap is indicated by a dash.

```

                *           20           *
5  Seqid2 : MKKAIKLNLTGLINTIGMTITQAAEET : 30
    Seqid4 : .....S..... : 30

                40           *           60
10 Seqid2 : LGQIDVVEKVISNDKKPFTEAKAKSTRENV : 60
    Seqid4 : ..... : 60

                *           80           *
15 Seqid2 : FKETQTIDQVIRSIPGAFTQQDKGSGVVSV : 90
    Seqid4 : ..... : 90

                100           *           120
20 Seqid2 : NIRGENGLGRVNTMVDGVTQTFYSTALDSG : 120
    Seqid4 : ..... : 120

                *           140           *

```

16 / 21

Seqid2 : QSGGSSQFGAAIDPNFIAGVDVNKSNFSGA : 150

Seqid4 : : 150

5

160

*

180

Seqid2 : SGINALAGSANFRTLGVNDVITDDKPFGII : 180

Seqid4 :S..... : 180

10

*

200

*

Seqid2 : LKGMTGSNATKSNFMTMAAGRKWLDNNGGYV : 210

Seqid4 :T..... : 210

15

220

*

240

Seqid2 : GVVYGYSQREVSQDYRIGGGERLASLGQDI : 240

Seqid4 : : 240

20

*

260

*

Seqid2 : LAKEKEAYFRNAGYILNPEGQWTPDLSKKH : 270

Seqid4 :KI...D.....SA...A...N.P. : 270

17 / 21

280 * 300

Seqid2 : WSCNKPDYQKN---GDCSYRIGSAAKTR : 296

Seqid4 :T.SSL..KSMSTS.KP....P..T... : 300

5

* 320 *

Seqid2 : REILQELLTNGKKPKDIEKLQKGNDGIEET : 326

Seqid4 : Q...K...E...E.....S..... : 330

10

340 * 360

Seqid2 : DKSFERNKDQYSVAPIEPGSLQSRSRSHLL : 356

Seqid4 : E.....D..... : 360

15

* 380 *

Seqid2 : KFEYGDDHQNLGAQLRTLDNKIGSRKIENR : 386

Seqid4 :S...HT..... : 390

20

400 * 420

Seqid2 : NYQVNYNFNNNSYLDLNLMAAHNIGKTIYP : 416

Seqid4 : : 420

* 440 *

5 Seqid2 : KGGFFAGWQVADKLITKNVANIVDINNSHT : 446

Seqid4 : : 450

460 * 480

10 Seqid2 : FLLPKEIDLKTTTLGFNYFTNEYSKNRFPEE : 476

Seqid4 : : 480

* 500 *

15 Seqid2 : LSLFYNDASHDQGLYSHSKRGRYSGTKSLL : 506

Seqid4 :V.E.....L.N.....G.. : 510

520 * 540

20 Seqid2 : PQRSVILQPSGKQKFCTVYFDTALSKGIYH : 536

Seqid4 : : 540

19 / 21

* 560 *

Seqid2 : LNYSVNFTHYAFNGEYVGYENTAGQQINEP : 566

Seqid4 :K...-DK.... : 569

5

580 * 600

Seqid2 : ILHKSGHKKAFNHSATLSAELSDYFMPFFT : 596

Seqid4 : : 599

10

* 620 *

Seqid2 : YSRTHRMPNIQEMFFSQVSNAGVNTALKPE : 626

Seqid4 : : 629

15

640 * 660

Seqid2 : QSDTYQLGFNTYKKGLFTQDDVLGVKLVGY : 656

Seqid4 : : 659

20

* 680 *

Seqid2 : RSFIKNYIHNVYGVWWRDG-MPTWAESNGF : 685

Seqid4 :D.S...V..E..RL... : 689

700

*

720

Seqid2 : KYTIAHQNYKPIVKKSGVELEINYDMGRFF : 715

Seqid4 : .L.....Q.....A..... : 719

5

*

740

*

Seqid2 : ANVSYAYQRTNQPTNYADASPRPNNASQED : 745

Seqid4 :S..R...K.E : 749

10

760

*

780

Seqid2 : ILKQGYGLSRVSMPLPKDYGRLELGTRWFDQ : 775

Seqid4 : : 779

15

*

800

*

Seqid2 : KLTLGLAARYYGKSKRATIEEEYINGSRFX : 805

Seqid4 :T.....E : 809

20

820

*

840

Seqid2 : KNTLRRENYAVKKTEDIKKQPIILDLHVS : 835

Seqid4 : ...T.DRI.....E..... : 839

* 860 *

5 Seqid2 : YEPIKDLIIKAEVQNLLDKRYVDPLDAGND : 865

Seqid4 : : 869

880 * 900

10 Seqid2 : AASQRYYSSLNNSIECAQDSSACG-GSDKT : 894

Seqid4 :A.KI.E.T.ND..E.. : 899

*

15 Seqid2 : VLYNFARGRTYILSLNYKF : 913

Seqid4 : : 918